

دانشگاه علوم پزشکی قزوین



دانشکده پیراپزشکی

گروه بیوتکنولوژی پزشکی

عنوان:

بررسی بیان و متیلاسیون پروموتور ژن CXX_1 در بلوک های بافتی بیماران مبتلا به سرطان پستان.

اساتید راهنما:

جناب آقای دکتر نعمت الله غیبی

جناب آقای دکتر محمد حسین احمدی

اساتید مشاور:

جناب آقای دکتر مهدی آزاد

سرکار خانم دکتر فاطمه سمیعی راد

نگارنده: زهرا محمدی

چکیده:

زمینه: سرطان پستان دومین بدخیمی کشنده در خانم هاست. طی مطالعات سال های اخیر همراهی تغییرات اپی ژنتیکی با تغییرات ژنتیکی در ایجاد و توسعه ی سرطان ها آشکار شده است و متیلاسیون DNA تغییر اپی ژنتیکی است که بسیار مورد مطالعه و ارزیابی قرار گرفته است. متیله شدن ناحیه CpG پرموتر ژن ها منجر به سرکوب رونویسی در آنها میشود و نتیجه ی متیله شدن پرموتر ژن های تومورسایرسور، خاموشی و غیر فعال شدن آنهاست. مطالعات نشان داده اند که افزایش بیان انکوژن ها و خاموشی ژن های تومورسایرسور به صورت خارج از کنترل، از ویژگی های سرطان ها هستند. CXX1 یک ژن سرکوبگر تومور است که پرموتر آن در سرطان های کلورکتال و معده ، متیله و بیان ژن دچار کاهش تنظیم شده است.

مواد و روش ها : در این مطالعه بیان ژن CXX1 و متیلاسیون پرموتر ژن CXX1 به ترتیب با انجام تست های ریل تایم و MSP_PCR در بلوکهای بافتی پارافینه ی سرطان پستان ارزیابی و با نمونه های خوش خیم مقایسه شد.

نتایج: ژن CXX1 در بافتهای بدخیم بواسطه متیلاسیون جزایر CpG پرموتر دچار کاهش تنظیم میشود. (P value=0.031) و بیان آن در نمونه های بیمار بدخیم در مقایسه بانمونه های کنترل پایین تر و از لحاظ آماری معنی دار و قابل توجیه بود. (P value=0.027)

نتیجه گیری: در آنالیز آماری داده های بالینی شرکت کنندگان و مقایسه ی آنها در دو گروه مورد مطالعه، مشخص شد که با افزایش سن ریسک سرطان پستان بالا میرود $P \text{ value} < 0.001$. درارزیابی دو جمعیت مشاهده شده که توده ی ضایعات خوش خیم پستان (جمعیت کنترل) بر خلاف جمعیت بیمار بدخیم دارای حرکت هستند $p \text{ value} < 0.001$. همچنین سائز توده در نمونه های بدخیم بیشتر از نمونه های کنترل دیده شد $P \text{ value} = 0.006$.

کلید واژه ها: متیلاسیون، ژن CXX1، سرطان پستان